

腸内フローラ・細菌叢解析をもっとお手軽に

国内ラボでDNA抽出！

土壌、糞便、唾液、水、発酵食品も受け付け

16S rRNA細菌叢解析

- 細菌群の相対的な割合を解析
- 腸内フローラ、発酵食品、環境中の細菌の動態を理解

ご提出可能なサンプル

- 抽出済みのゲノムDNA
- 環境サンプル（土壌、水など）
- 生体サンプル（糞便、唾液など）
- その他、ご相談ください！

18S/ITS rRNA配列解析

- カビなどの真菌類、酵母の網羅的検出と分類にも対応

全メタゲノミクス解析

- より包括的な細菌叢、微生物群集の解析に
- 53,000種以上のゲノムを対象

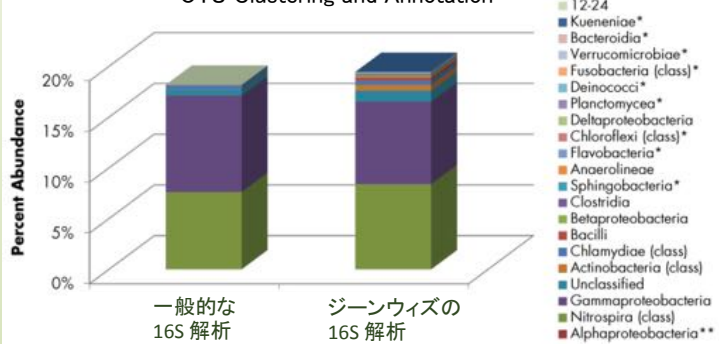
全長16S rRNA配列解析

- PacBio Sequelロングリードシーケンサーを使用
- 16S rRNAの全長解析によりより正確な分類同定が可能

メタトランスクリプトーム

- 微生物集団での遺伝子発現動態の解析に
- 環境、宿主により影響される微生物の作用を理解

OTU Clustering and Annotation



ジーンウィズの16S細菌叢解析は独自開発の縮重プライマーを使用。これにより、従来の一般的な16S解析と比べ、より希少な細菌種も高感度に検出。

一般的な16S解析と比較し、8種類多い、2-4倍の細菌の種類を同定（網レベル）。属・種レベルの同定が可能。

特長1: 標準解析の内容が充実

**特長2: 独自の混合プライマーを使用
希少細菌種も高感度に検出**

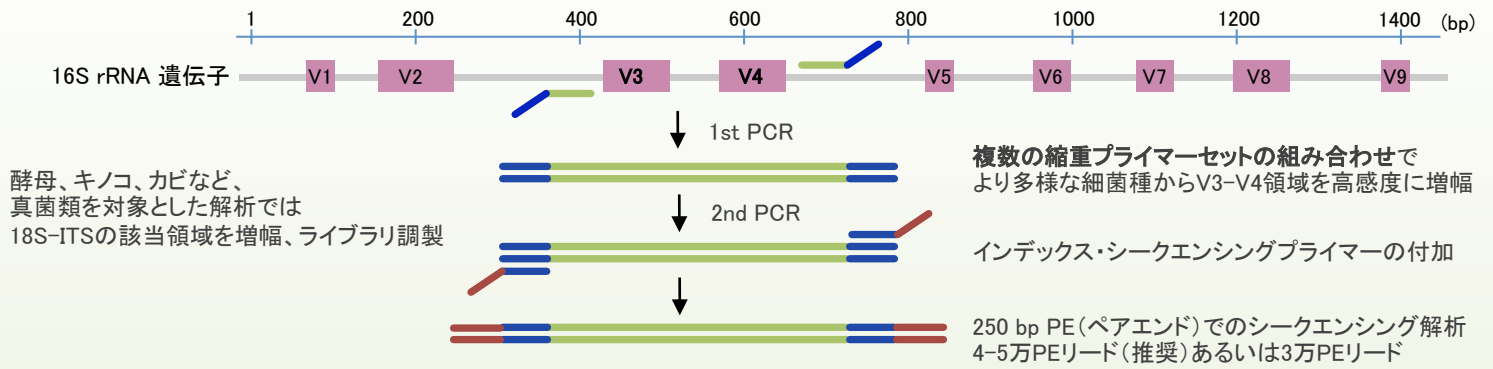
**特長3: 細菌叢解析のための豊富な
アプリケーション**

16S/18S/ITSアンプリコン解析

15,000円(4-5万PEリード)/サンプル

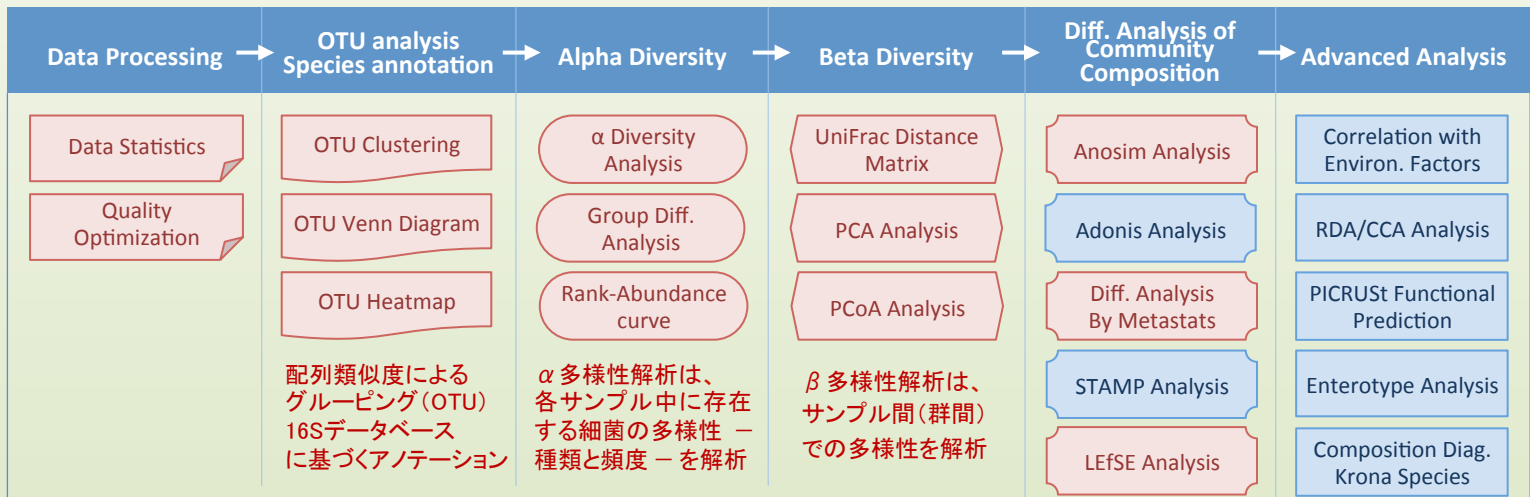
- * ライブラリ調製から標準解析まで
- * 抽出済みDNAをご提出の場合
- * DNA抽出からの場合は+4,900円
- * まとめてご注文の場合はもっとお安く

ライブラリ調製の流れ



生物情報学解析の流れと標準解析の実例

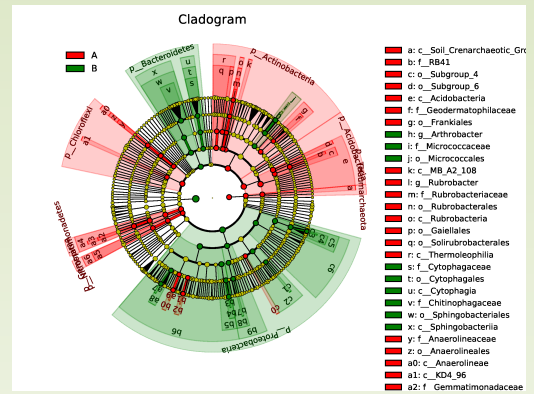
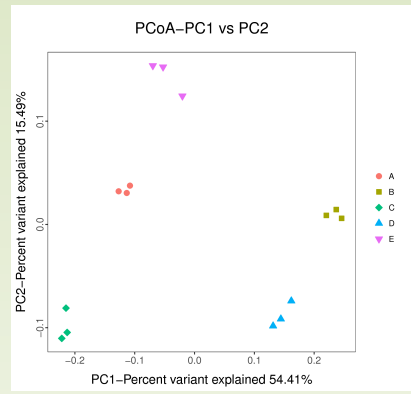
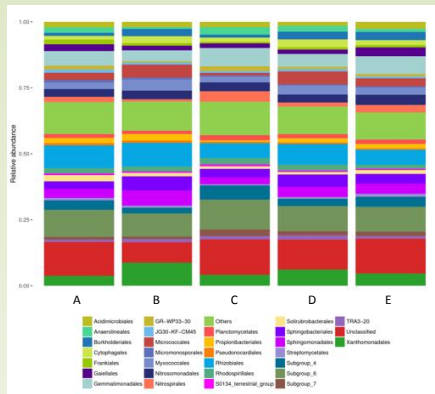
QiimeとRを中心とした、発展的な解析パイプライン



α / β 多様性解析は、例えば、ヒトを対象にしたマイクロバイオーム解析では、

各個人での食生活と腸内環境との関連について、また調査を行なった集団・民族・人種ごとの共通性を明らかにします

赤色で表示の項目は標準解析、青色は追加のオプション解析



納品物と納期

生データFASTQファイルおよび各種解析結果。通常納期はライブラリ調製から解析まで約25営業日(サンプル品質確認後の土日を除く営業日数;実質、5-6週間程度)。納期半分の短納期サービスあり。

サンプル提出ガイドライン(16S/18S/ITSアンプリコン解析の場合)

- 抽出済みDNAをご提出の場合: 総量 ≥150 ng 濃度 ≥3 ng/μL 分量 ≥20μl
- 土壌あるいは糞便をご提出の場合: >200 mg入りのチューブを2本(ガイドラインに満たない場合は応相談)
 - 土壌は、採取場所等(工場跡地など)により微生物の含有量が少ないと推測される場合は、5-10 g程度をご提出ください。
 - 保冷剤同梱で発送、すでに凍結保存されている場合はドライアイス同梱で発送。
 - 採取条件、検体保存条件等により十分量のDNAが抽出できないこともあります。
- 水、唾液、発酵食品なども受け付け可能。お問い合わせください。

取扱店・代理店記入欄

日本ジーンウィズ株式会社

〒333-0844 埼玉県川口市上青木3-12-18

埼玉県産業技術総合センター 508号室(オフィス)・553号室(ラボ)

電話: 048-483-4980 電子メール: Business.Japan@genewiz.com